

**Figure 1 : Alignment of the BASB040 polynucleotide sequences.
Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot.**

	*	20	*	
Seqid1 :	ATGATGATCAAACCGACCGCCCTGCTCCTG	:		30
Seqid3 :	:		30
Seqid5 :		:		-
	40	*	60	
Seqid1 :	CCGGCTTTATTTTCTTTCCGCACGCATAC	:		60
Seqid3 :	:		60
Seqid5 :		:		-
	*	80	*	
Seqid1 :	GCGCCTGCCGCCGACCTTTCCGAAAACAAG	:		90
Seqid3 :	:		90
Seqid5 :	:		24
	100	*	120	
Seqid1 :	GCGGCGGGTTTCGCATTGTTCAAAAACAAA	:		120
Seqid3 :	:		120
Seqid5 :	:		54
	*	140	*	
Seqid1 :	AGCCCCGACACCGAATCAGTTAAATTAAAA	:		150
Seqid3 :	:		150
Seqid5 :C.....	:		84
	160	*	180	
Seqid1 :	CCCAAATTCCCCGTCCGCATCGACACGCAG	:		180
Seqid3 :	:		180
Seqid5 :T.....	:		114

2 / 15

* 200 *

Seqid1 : GATAGTGAAATCAAAGATATGGTCGAAGAA : 210
Seqid3 : : 210
Seqid5 : ..C..... : 144

220 * 240

Seqid1 : CACCTGCCGCTCATCACGCAGCAGCAGGAA : 240
Seqid3 : : 240
Seqid5 : : 174

* 260 *

Seqid1 : GAAGTATTGGACAAGGAACAGACGGGCTTC : 270
Seqid3 : : 270
Seqid5 : : 204

280 * 300

Seqid1 : CTCGCCGAAGAAGCACCGGACAACGTTAAA : 300
Seqid3 : : 300
Seqid5 :G..... : 234

* 320 *

Seqid1 : ACCATGCTCCGCAGCAAAGGCTATTTTCAGC : 330
Seqid3 : : 330
Seqid5 : ..G..... : 264

340 * 360

Seqid1 : AGCAAAGTCAGCCTGACGGAAAAAGACGGA : 360
Seqid3 : : 360
Seqid5 : : 294

* 380 *

Seqid1 : GCTTATACGGTACACATCACACCGGGCCCCG : 390
Seqid3 : : 390
Seqid5 : : 324

400 * 420
Seqid1 : CGCACCAAAATCGCCAACGTCGGTGTCGCC : 420
Seqid3 : : 420
Seqid5 :C..... : 354

* 440 *
Seqid1 : ATCCTCGGCGACATCCTTTCAGACGGCAAC : 450
Seqid3 : : 450
Seqid5 : : 384

460 * 480
Seqid1 : CTCGCCGAATACTACCGCAACGCGCTGGAA : 480
Seqid3 : : 480
Seqid5 : : 414

* 500 *
Seqid1 : AACTGGCAGCAGCCGGTAGGCAGTGATTTC : 510
Seqid3 : : 510
Seqid5 :C..... : 444

520 * 540
Seqid1 : GATCAGGACAGTTGGGAAAACAGCAAAACT : 540
Seqid3 : : 540
Seqid5 : : 474

* 560 *
Seqid1 : TCCGTCCTCGGCGCGGTAACGCGAAAAGGC : 570
Seqid3 :C..... : 570

Seqid5 :C....C. : 504

Seqid1 : TACCCGCTTGCCAAGCTCGGCAACACCCGG : 600
 Seqid3 : : 600
 Seqid5 :T..G.A. : 534

Seqid1 : GCGGCCGTCAACCCCGATACCGCCACCGTC : 630
 Seqid3 : : 630
 Seqid5 :C. : 564

Seqid1 : GATTTGAACGTCGTCGTGGACAGCGGCCGC : 660
 Seqid3 : : 660
 Seqid5 : : 594

Seqid1 : CCCATCGCCTTCGGCGACTTTGAAATCACC : 690
 Seqid3 : : 690
 Seqid5 : : 624

Seqid1 : GGCACACAGCGTTACCCCGAACAAATCGTC : 720
 Seqid3 : : 720
 Seqid5 : : 654

Seqid1 : TCCGGCCTGGCGCGCTTCCAACCGGGCAGC : 750
 Seqid3 : : 750
 Seqid5 :T.....T.....G..C..T.T. : 684

760 * 780
Seqid1 : CCCTACGACCTCGACCTGCTGCTCGACTTC : 780
Seqid3 : : 780
Seqid5 : ..G..... : 714

* 800 *
Seqid1 : CAACAGGCACTCGAACAAAACGGGCATTAT : 810
Seqid3 : : 810
Seqid5 :G..... : 744

820 * 840
Seqid1 : TCCGGCGCGTCCGTACAAGCCGACTTCGAC : 840
Seqid3 : : 840
Seqid5 : : 774

* 860 *
Seqid1 : CGTCTCCAAGGCGACCGCGTCCCCGTCAAA : 870
Seqid3 : : 870
Seqid5 : ..C..... : 804

880 * 900
Seqid1 : GTCAGCGTAACCGAGGTCAAACGCCACAAG : 900
Seqid3 : : 900
Seqid5 :A : 834

* 920 *
Seqid1 : CTCGAAACCGGCATCCGCCTCGATTTCGGAA : 930
Seqid3 : : 930
Seqid5 : : 864

940 * 960
Seqid1 : TACGGTTTGGGCGGCAAAATCGCCTACGAC : 960

Seqid3 : : 960
Seqid5 : : 894

* 980 *

Seqid1 : TATTACAACCTCTTCAACAAAGGCTATATC : 990
Seqid3 : : 990
Seqid5 : : 924

1000 * 1020

Seqid1 : GGCTCGGTCGTCTGGGATATGGACAAATAC : 1020
Seqid3 : : 1020
Seqid5 : ..T..... : 954

* 1040 *

Seqid1 : GAAACCACGCTTGCCGCCGGCATCAGCCAG : 1050
Seqid3 : : 1050
Seqid5 : : 984

1060 * 1080

Seqid1 : CCGCGCAACTATCGGGGCAACTACTGGACA : 1080
Seqid3 : : 1080
Seqid5 : : 1014

* 1100 *

Seqid1 : AGCAACGTTTCTCTACAACCGTTCGACCACC : 1110
Seqid3 : : 1110
Seqid5 : : 1044

1120 * 1140

Seqid1 : CAAAACCTCGAAAAACGCGCCTTCTCCGGC : 1140
Seqid3 : : 1140
Seqid5 : : 1074

* 1160 *

Seqid1 : GGCATCTGGTATGTGCGCGACCGCGCGGGC : 1170
Seqid3 : : 1170
Seqid5 : ...G..... : 1104

1180 * 1200

Seqid1 : ATCGATGCCAGGCTGGGGGCAGAGTTTCTC : 1200
Seqid3 : : 1200
Seqid5 :G..A..... : 1134

* 1220 *

Seqid1 : GCAGAAGGCCGGAATCCCCGGCTCGGAT : 1230
Seqid3 : : 1230
Seqid5 :C. : 1164

1240 * 1260

Seqid1 : ATCGATTTGGGCAACAGCCACGCCACGATG : 1260
Seqid3 : : 1260
Seqid5 : G..... : 1194

* 1280 *

Seqid1 : CTGACCGCCTCTTGGAACGCCAGCTGCTC : 1290
Seqid3 : : 1290
Seqid5 : : 1224

1300 * 1320

Seqid1 : AACAACTGCTGCATCCCGAAAACGGCCAT : 1320
Seqid3 : : 1320
Seqid5 : : 1254

* 1340 *

Seqid1 : TACCTCGACGGCAAAATCGGTACGACTTTG : 1350
Seqid3 : : 1350
Seqid5 : : 1284

1360 * 1380
Seqid1 : GGCACATTCCTGTCCTCCACCGCGCTGATC : 1380
Seqid3 : : 1380
Seqid5 : : 1314

* 1400 *
Seqid1 : CGCACCTCTGCCCCGTGCAGGTTATTTCTTC : 1410
Seqid3 : : 1410
Seqid5 : : 1344

1420 * 1440
Seqid1 : ACGCCCGAAAAACAAAAAATCGGCACGTTC : 1440
Seqid3 : : 1440
Seqid5 : : 1374

* 1460 *
Seqid1 : ATCATACGCGGACAAGCGGGTTACACCGTT : 1470
Seqid3 : : 1470
Seqid5 : : 1404

1480 * 1500
Seqid1 : GCCCGCGACAATGCCGACGTTCCTTCAGGG : 1500
Seqid3 : : 1500
Seqid5 : : 1434

* 1520 *
Seqid1 : CTGATGTTCCGCAGCGGCGGCGGTCTTCC : 1530
Seqid3 : : 1530

Seqid5 : : 1464

1540 * 1560
Seqid1 : GTGCGCGGTTACGAACTCGACAGCATCGGA : 1560
Seqid3 : : 1560
Seqid5 : : 1494

* 1580 *
Seqid1 : CTTGCCGGCCCCGAACGGATCGGTCCTGCCC : 1590
Seqid3 : : 1590
Seqid5 : : 1524

1600 * 1620
Seqid1 : GAACGCGCCCTCCTGGTGGGCAGCCTGGAA : 1620
Seqid3 : : 1620
Seqid5 : : 1554

* 1640 *
Seqid1 : TACCAACTGCCGTTTACGCGCACCCCTTTCC : 1650
Seqid3 : : 1650
Seqid5 : : 1584

1660 * 1680
Seqid1 : GGCGCGGTGTTCCACGATATGGGCGATGCC : 1680
Seqid3 : : 1680
Seqid5 : : 1614

* 1700 *
Seqid1 : GCCGCCAATTTCAAACGTATGAAGCTGAAA : 1710
Seqid3 : : 1710
Seqid5 : : 1644

1720 * 1740
Seqid1 : CACGGTTCGGGACTGGGCGTGCGCTGGTTC : 1740
Seqid3 : : 1740
Seqid5 : : 1674

* 1760 *
Seqid1 : AGCCCGCTTGCGCCGTTTTTCCTTCGACATC : 1770
Seqid3 : : 1770
Seqid5 : : 1704

1780 * 1800
Seqid1 : GCCTACGGGCACAGCGATAAGAAAATCCGC : 1800
Seqid3 : : 1800
Seqid5 : : 1734

* 1820 *
Seqid1 : TGGCACATCAGCTTGGAACACGCTTCTAA : 1830
Seqid3 : : 1830
Seqid5 : : 1764

**Figure 2 : Alignment of the BASB040 polypeptide sequences.
Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot.**

```

          *           20           *
Seqid2 : MMIKPTALLLPALFFFPHAYAPAADLSENK : 30
Seqid4 : ..... : 30
Seqid6 : ..... : 8

```

```

          40           *           60
Seqid2 : AAGFALFKNKSPDTESVKLPKFPVRIDTQ : 60
Seqid4 : ..... : 60
Seqid6 : .....L.... : 38

```

```

          *           80           *
Seqid2 : DSEIKDMVEEHLPLITQQQEEVLDKEQTGF : 90
Seqid4 : ..... : 90
Seqid6 : ..... : 68

```

```

          100           *           120
Seqid2 : LAEEAPDNVKTMLRSKGYFSSKVS LTEKDG : 120
Seqid4 : ..... : 120
Seqid6 : ..... : 98

```

12 / 15

* 140 *

Seqid2 : AYT VHITPGPRTKIANVGVAILG DILSDGN : 150

Seqid4 : : 150

Seqid6 : : 128

160 * 180

Seqid2 : LAEYYRNALENWQQPVGSDFDQDSWENSKT : 180

Seqid4 : : 180

Seqid6 : : 158

* 200 *

Seqid2 : SVLGAVTRKGYPLAKLGNTAAVNPDTATV : 210

Seqid4 : : 210

Seqid6 :A.....Q.....A : 188

220 * 240

Seqid2 : DLNVVVDSGRPIAFGDFEITGTQRYPEQIV : 240

Seqid4 : : 240

Seqid6 : : 218

* 260 *

Seqid2 : SGLARFQPGTPYDLDLLLDFQQALEQNGHY : 270
Seqid4 : : 270
Seqid6 :M..... : 248

280 * 300

Seqid2 : SGASVQADFDRQLQGDRVPVKVSVTEVKRHK : 300
Seqid4 : : 300
Seqid6 : : 278

* 320 *

Seqid2 : LETGIRLDSEYGLGGKIAVDYYNLFNKGYYI : 330
Seqid4 : : 330
Seqid6 : : 308

340 * 360

Seqid2 : GSVVWDMDKYETTLAAGISQPRNYRGNYWT : 360
Seqid4 : : 360
Seqid6 : : 338

* 380 *

Seqid2 : SNVSYNRSTTQNLEKRAFSGGIWYVRDRAG : 390
Seqid4 : : 390

Seqid6 : : 368

400 * 420

Seqid2 : IDARLGAEFLAEGRKIPGSDIDLGN SHATM : 420

Seqid4 : : 420

Seqid6 :A..... : 398

* 440 *

Seqid2 : LTASWKRQLLNNVLHPENGHYLDGKIGTTL : 450

Seqid4 : : 450

Seqid6 : : 428

460 * 480

Seqid2 : GTFLSSTALIRTSARAGYFFTPENKKLGTF : 480

Seqid4 : : 480

Seqid6 : : 458

* 500 *

Seqid2 : IIRGQAGYTVARDNADVPSGLMFRSGGASS : 510

Seqid4 : : 510

Seqid6 : : 488

520 * 540

Seqid2 : VRGYELDSIGLAGPNGSVLPERALLVGSLE : 540

Seqid4 : : 540

Seqid6 : : 518

* 560 *

Seqid2 : YQLPFTRTLGAVFHDMGDAAANFKRMKLK : 570

Seqid4 : : 570

Seqid6 : : 548

580 * 600

Seqid2 : HGSGLGVRWFSPAPFSFDIAYGHSDKKIR : 600

Seqid4 : : 600

Seqid6 : : 578

Seqid2 : WHISLGTRF : 609

Seqid4 : : 609

Seqid6 : : 587